

MPOB y Orion Genomics completaron la secuenciación y análisis de tres genomas de palma de aceite

La secuencia genómica de las variedades de palma de aceite permite a los investigadores entender las diferencias genéticas entre palmas que son, por ejemplo, de mayor rendimiento o más resistentes a las enfermedades.

El Malaysian Palm Oil Board (MPOB) y Orion Genomics anunciaron en días pasados, que un consorcio codirigido por Advanced Biotechnology and Breeding Centre del

MPOB y Orion Genomics secuenció tres genomas de dos especies de palma de aceite, un cultivo de gran importancia para los sectores de alimentos y biocombustibles.



La meta de completar la secuencia del genoma de la palma de aceite es mejorar los rendimientos para la producción de alimentos, concentrados y combustibles.



Cenipalma tendrá el genoma de la palma en 2012

Para el Director Ejecutivo de Cenipalma, José Ignacio Sanz, afortunadamente la investigación y el conocimiento en el mundo avanzan todos los días y es así como cada día se hacen nuevos descubrimientos y se desarrollan nuevas herramientas que permiten ir acelerando cada vez más los diferentes procesos sobre el mejoramiento genético de la palma de aceite.

Según su criterio, el avance que hizo el MPOB en conjunto con sus aliados, cubre prácticamente el genoma de las palmas que a la fecha originan todas las palmas de aceite comerciales del mundo y, por tanto, ahora es posible hacer su mejoramiento genético menos «a tientas» y más en forma dirigida.

Cabe anotar que Cenipalma hace parte de un consorcio denominado «Proyecto del Genoma de la Palma de Aceite, OPGP», el cual cuenta con muchos socios internacionales y con el cual el Centro aspira a tener también el genoma de la palma, tanto africana como americana, para el año 2012.

Para los expertos, este esfuerzo de secuenciación del genoma proporciona un mapa genético completo de *E. oleifera* y *E. guineensis*, incluyendo palmas Pisífera y Dura. En la producción comercial de semillas, la Pisífera se usa frecuentemente como progenitor padre, y la Dura, como progenitor madre.

Las plantaciones de palma de aceite producen en promedio 3,9 toneladas de aceite por hectárea por año, cerca de 10 veces más que otras oleaginosas. Por lo tanto, tienen el potencial de satisfacer la creciente demanda por alimentos y combustibles renovables. El aceite de palma es utilizado como aceite de cocina, en margarina, productos de panadería y como ingrediente de otros alimentos; también es catalogado como el aceite comestible que más se consume en el mundo, porque, además, proporciona alimento a más de 3 mil millones de personas en 150 países alrededor del mundo y es un ingrediente de uso común en jabones y cosméticos.

En 2008, Malasia produjo 17,7 millones de toneladas de aceite de palma y exportó el equivalente a RM65.2 mil millones (US\$17,6 mil millones) de productos de palma. Las nuevas tecnologías ahora han permitido

transformar el aceite de palma en biodiésel, un combustible renovable muy promisorio.

La familia de la palma de aceite tiene dos especies: *E. guineensis*, originaria de África, y *E. oleifera*, que es nativa de Suramérica. Debido a su alta productividad, la *E. guineensis* es la variedad comercial que se siembra en Malasia. Sin embargo, la *E. oleifera* tiene muchas características interesantes, como por ejemplo baja altura, resistencia a enfermedades y, además, produce mayores cantidades de

La meta de completar la secuencia del genoma de la palma de aceite es mejorar dramáticamente los rendimientos para la producción de alimentos, concentrados y combustibles.

grasas no saturadas. Estas características agregarían valor si se incorporan en las líneas comerciales de *E. guineensis*.

«El conocimiento de la secuencia genómica de estas variedades de palma de aceite permite a los investigadores entender las diferencias genéticas entre palmas que son, por ejemplo, de mayor rendimiento o más resistentes a las enfermedades», dijo Datuk Dr.

Mohd Basri Wahid, Director General del MPOB.

«La meta de completar la secuencia del genoma de la palma de aceite es mejorar dramáticamente los rendimientos para la producción de alimentos, concentrados y combustibles», añadió.

Adicionalmente, «con dicho estudio epigenético se pueden determinar los genes silenciados y los no silenciados, lo cual implica que se puede identificar en forma aun más detallada y rápida cuáles son los genes responsables de una u otra característica y por ende escoger las características deseables para introducir en un programa de mejoramiento genético. Este hallazgo va a beneficiar enormemente a la palmicultura en Malasia», apuntó.

¿Qué es Epigenética?

La epigenética es el estudio del patrón de los grupos químicos que determinan si genes específicos están activos o inactivos. La epigenética consiste, entre otras cosas, en cambios a una capa de información escrita sobre una molécula de ADN en forma de metilación del ADN, que controla si un gen está activo o inactivo, conocido también como silenciamiento génico. Los cambios epigenéticos se pueden asociar con diferencias en características agronómicas entre plantas de cultivo que son genéticamente iguales, incluyendo diferencias en resistencia a enfermedades y al estrés ambiental, lo mismo que diferencias en rendimiento del cultivo.

«Tenemos la teoría de que mediante el estudio epigenético de la palma de aceite podemos ayudar a acelerar el desarrollo de variedades de palma que produzcan más aceite, más rápidamente, aumentando la eficiencia por área de este cultivo, que ya de por sí es el mayor productor de aceites comestibles del mundo», dijo Nathan Lakey, Presidente y Director Ejecutivo de Orion Genomics.

El consorcio que secuenció los tres genomas está compuesto por Orion Genomics, con sede en St. Louis, Missouri (E.U.); MOgene LC y Genome Center, de la Universidad de Washington (E.U.); MacroGen Inc., con sede en Corea del Sur, y Adelaide, GeneWorks Pty Ltd., con sede en Australia.

Además de la secuenciación y ensamble de los genomas de las tres variedades de palma de aceite, el consorcio secuenció los genes expresados (o transcriptoma) de múltiples tipos de tejido para los tres tipos de palma de aceite. La secuencia del transcriptoma ayudará a los investigadores de la palma de aceite a entender los genes responsables del rendimiento, resistencia a enfermedades y resistencia a estrés ambiental. La iniciativa generó los mapas genéticos y transcriptionales más completos que se hayan hecho hasta la fecha de este importante cultivo.

El MPOB y Orion, junto con MOgene, LC, también revelaron planes para estudiar la composición epigenética de la palma de aceite en el año 2010, en un esfuerzo para mejorar los rendimientos.

Tomado de: MPOB 



Además de la secuenciación y ensamble de los genomas de las tres variedades de palma de aceite, el consorcio secuenció los genes expresados (o transcriptoma) de múltiples tipos de tejido para los tres tipos de palma de aceite.